

# RNA 配列情報解析技術の進展

講師：浅井 潔

東京大学大学院 新領域創成科学研究科 情報生命科学専攻 教授  
京都大学化学研究所 客員教授

日時：11月16日(火) 4:30 pm～

場所：総合研究実験棟 2階 CB207

近年その重要性が注目されるようになった機能性 RNA の多くは配列の逆相補性を利用して特異性の高い配列認識を行う能力がある。同時に、これらの RNA はその2次構造が機能の発現に重要であり、また進化的にも2次構造が保存される傾向があることが知られている。そのため、機能性 RNA に対する検索、アラインメント、標的分子予測などでは、2次構造を考慮した配列情報解析技術を用いる必要がある。従来の RNA 配列情報解析アルゴリズムは計算コストが高いため大規模な解析が不可能であり、また2次構造予測の精度も十分ではなかった。近年、RNA 配列情報解析に新しいアルゴリズムが次々と開発され、大規模で高精度な解析の可能性に期待が高まっている。本講義では、RNA 配列解析の  $\gamma$  セントロイド推定量と動的計画法を中心に、RNA 配列情報解析における我々の最近の成果を紹介する。

問合せ：化学研究所バイオインフォマティクスセンターパスウェイ工学領域  
馬見塚 拓 (内 3023, メール [mami@kuicr.kyoto-u.ac.jp](mailto:mami@kuicr.kyoto-u.ac.jp))